



TITLE:

Analysis on virus-virus and virus-host interactions in Brassicaceae in natural environments(Abstract_要旨)

AUTHOR(S):

Kamitani, Mari

CITATION:

Kamitani, Mari. Analysis on virus-virus and virus-host interactions in Brassicaceae in natural environments. 京都大学, 2017, 博士(理学)

ISSUE DATE:

2017-03-23

URL:

<https://doi.org/10.14989/doctor.k20211>

RIGHT:

学位規則第9条第2項により要約公開

(続紙 1)

京都大学	博 士 (理 学)	氏 名	神谷 麻梨
論文題目	Analysis on virus-virus and virus-host interactions in Brassicaceae in natural environments. (野生アブラナ科植物におけるウイルス種間、ウイルスー宿主間相互作用の解析)		
(論文内容の要旨)			
<p>植物ウイルスの研究はこれまで農作物の病害を中心に行われてきたため、自然生育地における知見はごく限られてきた。自然環境下で、ウイルスー宿主間やウイルスーウイルス間にどのような相互作用が起こっているのかを明らかにすることを目的とした研究が必要である。宿主内における種間相互作用を研究するには、宿主内に感染しているウイルスの網羅的同定が求められる。しかし、全ウイルスに共通な遺伝子や配列がないため、感染の網羅的な同定や新規ウイルスの探索は困難を伴う。そこで本研究では、ゲノムを構成する核酸の種類(DNA/RNA)やゲノム末端のpolyAの有無によらず、より網羅的にウイルスを解析することが可能な手法として、rRNAの選択的分解を用いたデュアルRNA-Seqを行った。この方法を用いることで、種レベルでの正確なウイルス同定と宿主トランスクリプトームの同時解析が可能となった。</p> <p>第1章では、野生植物におけるウイルスー宿主間、ウイルスーウイルス間相互作用を考えるうえで重要な点とそれに関連する先行研究を整理した。第2章では、植物の個体、集団レベルでの相互作用を明らかにするため、アブラナ科植物ハクサンハタザオ (<i>Arabidopsis halleri</i> subsp. <i>gemmifera</i>) の自然集団を対象にRNA-Seqを用いた解析を行った。De novo(新規)アセンブリで同定された1種の新規ウイルスを含む計4種のウイルスが検出されたが、感染した植物の多くで外部病徴は見られなかった。宿主のトランスクリプトーム解析からは、植物のウイルス防御機構で重要な働きを持つAGO2遺伝子のオーソログが、野外においてもウイルス感染葉において発現上昇していることが示された。一方、ウイルス種間では、宿主のウイルス防御機構に対するサプレッサーを持つカブモザイクウイルス(TuMV)の感染葉に、他種のウイルスによる重複感染が起こりやすい傾向が見られた。第三章では、植物の群集レベルから、同所的に生育する全種のアブラナ科植物を対象にウイルスの網羅的同定を行った。三地点の自然植物群集において、5種、2種、0種のウイルスが検出された。植物種によってウイルスの感染の有無が異なり、ウイルス感染は特定の多年草種のみで見られた。このような多年生植物における弱い病徴でのウイルス感染は、集団から排除されにくいため自然環境下において多く観察されるのではないかと考えられる。第4章では、以上の結果を踏まえ、野生植物内のウイルスを正確かつ網羅的に検出する意義、感染率を高く／低くするウイルスや植物の特徴、ウイルス種間の相互作用が重複感染に与える影響について議論した。自然環境下でこれまで見過ごされてきたウイルスー植物間の相互作用に目を向けることは、私たちの生物間相互作用に対する理解を深め、農作物病害をもたらすウイルスの由来を知る事にもつながる。</p>			

(続紙 2)

(論文審査の結果の要旨)

神谷麻梨氏が研究対象とした、自然植物群集におけるウイルスは、植物の生理や動態を決める主な要因である可能性がある。ところがこれまでの植物ウイルスの研究は、病理学的な観点に立った、作物に病徴を引き起こすウイルスを対象としたものがほとんどであった。本研究では、ウイルスが生態系を構成する要素であるという考えに立ち、植物の自然集団および群集を対象としたウイルス研究が展開されている。また、本研究で開発されたRNA-Seqを用いたウイルス捕捉技術も注目に値する。本研究では、ゲノムを構成する核酸の種類(DNA/RNA)やゲノム末端のpolyAの有無によらず、より網羅的にウイルスを解析することが可能な手法として、rRNAの選択的分解を用いたRNA-Seqが行われている。さらにウイルスゲノムのカバー率を考慮することで、種レベルでの正確なウイルス同定と宿主トランスクリプトームの同時解析が可能となった。

研究は、まず、アブラナ科植物ハクサンハタザオ(*Arabidopsis halleri* subsp. *gemmifera*)の自然集団を対象にすすめられた(第2章)。RNA-Seqを用いた解析では上述の捕捉技術にあわせて、*De novo*(新規)アセンブリを実施することで新規ウイルスを含む計4種のウイルスが検出された。感染した植物の多くは無病徴であること、宿主のトランスクリプトーム解析からはRNAサイレンシングに働くAGO2オーソログの働きを見出した。さらに、カブモザイクウイルス(TuMV)を中心とした重複感染の実態が明らかにした。第3章では、同所的に生育する全種のアブラナ科植物を対象とした植物群集レベルの解析が行われている。植物種によってウイルスの分布が異なり、ウイルス感染は特定の多年草種のみで見られた。これまで示唆されてきたよりも、限定的な種数のウイルスが分布することが見出され、そういったケースにおいては、多年生の宿主に対する病徴の弱い感染を通じて、植物集団にウイルスが保持され続けることが議論されている。第4章では、以上の結果を踏まえ、野生植物内のウイルスを正確で網羅的に検出する意義、感染率を高く／低くするウイルスや植物の特徴、ウイルス種間の相互作用が重複感染に与える影響について議論がなされている。

本論文により、植物ウイルスの野外研究が可能となるとともに、アブラナ科野生植物種におけるウイルスの分布が自然条件下で明らかにされ、宿主のクローン繁殖による垂直感染、弱い病徴、重複感染の鍵となるウイルス種の存在がウイルスの分布を決める要因として重要な役割を持つことが示唆された。その結果は、ウイルス生態学の先駆的および実証的研究として高く評価できる。よって、本論文は博士(理学)の学位論文として価値あるものと認める。また、平成29年1月26日、論文内容とそれに関連した事項について試問を行った結果、合格と認めた。

要旨公表可能日: 年 月 日以降